УДК: 636.082.12:636.22/.28.033
DOI: 10.52419/issn2072-2419.2024.3.402

АССОЦИАЦИЯ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ *FASN* И *DGAT1* С ЖИВОЙ МАССОЙ У МЯСНОГО СКОТА

Шевхужев А.Ф. – д-р с.-х. наук, проф. (ORCID 0000-0002-9164-4199); **Скорых Л.Н.** – д-р биол. наук, доц. (ORCID 0000-0002-6090-4453); **Криворучко А.Ю.** – д-р биол. наук (ORCID 0000-0003-0130-3639); **Скокова А.В.** – канд. биол. наук (ORCID 0000–0002–2193–7498); **Каниболоцкая А.А**. – канд. биол. наук (ORCID 0000–0003–3003–4175).

ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ»

**dorohin.2012@inbox.ru*

Ключевые слова: *FASN (синтаза жирных кислот), DGAT1 (диацилглицерол О-ацилтрансфераза), крупный рогатый скот, однонуклеотидный полиморфизм (SNP), ДНК, живая масса, генотип, фенотип.*

Keywords: *FASN (fatty acid synthase), DGAT1 (bovine diacylglycerol O-acyltransferase), single nucleotide polymorphism (SNP), DNA, live weight, cattle, genotype, phenotype.*

Финансирование: *Материалы подготовлены в рамках Федеральной научно-технической программы (ФНТП) развития сельского хозяйства на 2017-2030 годы. Подпрограмма: «Улучшение генетического потенциала крупного рогатого скота мясных пород» (FNMU-2022-0029).*

Поступила: 06.09.2024 **Принята к публикации: 20.09.2024**
Опубликована онлайн: 01.10.2024

РЕФЕРАТ

Отечественная калмыцкая порода скота считается уникальной и отличается от всех разводимых на территории России мясных пород. Животные этой породы наделены природной выносливостью и независимостью от климатических условий содержания, отличаются высокой адаптационной способностью, что дает возможность для разведения их как в чистоте, так в различных схемах скрещивания с другими породами во многих областях и регионах нашей страны. Кроме того, мясо от животных этой породы имеет достаточно высокие качественные и вкусовые показателями. Учитывая возрастающую потребность в высококачественной говядине, необходимость в исследованиях, направленных на повышение мясной продуктивности крупного рогатого скота, является актуальной задачей сельскохозяйственной науки и практики. Цель работы заключается в изучении полиморфизмов генов *FASN, DGAT1* и анализе их взаимосвязи с живой массой в популяции бычков калмыцкой породы, разводимых в крайне засушливой климатической и полупустынной эколого-ландшафтной зоне Ставропольского края. Исследования проводили в условиях СПК (колхоз-племзавод) «Дружба» Ставропольского края на бычках калмыцкой породы (n=156) в возрасте 8 месяцев. Для изучения полиморфизмов генов *FASN* и *DGAT1* выполнили генотипирование методом ПЦР-ПДРФ с использованием лиофилизованных

готовых реакционных смесей GenPak® PCR Core и пар праймеров, подобранных на ресурсе Primer-BLAST. Установили, что животные носители AG и GG генотипов полиморфизма *g.17924A> G* гена *FASN* имели живую массу на 7,8 и 11,9 % больше по сравнению с АА генотипом, а также среди всего исследованного поголовья по двум изучаемым генам. Животные носители гомозиготного ТТ генотипа полиморфизма c.1416T> G в гене *DGAT1* имели более высокую живой массой среди всех исследованных животных по этому гену на 5 %.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Выращивание мясного скота на засушливых пастбищах создает экологические и экономические трудности для животноводов. Почва, качество кормов и количество осадков являются ключевыми факторами, определяющими направление развития животноводческой отрасли в регионе и выработке стратегий, направленных на её развитие и поддержание [1]. Территория Апанасенковского района находится в крайне засушливой климатической и полупустынной эколого-ландшафтной зоне Ставропольского края. Кроме того, район относят ко второй агроэкологической группе характеризующийся наличием слабо эродированных, слабозасоленных и слабо каменисто-щебенчатых почв [2]. Учитывая природно-климатические, географические особенности рассматриваемой зоны, стремительно изменяющиеся условия среды, следует обратить внимание на изучение и сохранение генетического потенциала пород аборигенного скота, традиционно выращиваемого в этом регионе. Калмыцкий скот является единственной отечественной мясной породой, характеризующейся высокими адаптивными, продуктивными и воспроизводительными качествами, отличающийся от остального скота долголетием, крепкой конституцией, правильным телосложением. Говядина от животных этой породы имеет достаточно высокие качественные и вкусовые показателями, пользуется у потребителей повышенным спросом. [3-5]. Учитывая возрастающую потребность в высококачественной говядине, необходимость в исследованиях, направленных на повышение мясной продуктивности скота, является актуальной задачей сельскохозяйственной науки и практики.

По сравнению с другими видами мяса говядина наиболее богата белком, витаминами и множеством незаменимых аминокислот, поэтому ее предпочитают большинство потребителей. Качество говядины определяется несколькими факторами, главными из которых являются рост и развитие мышц, а также содержание внутримышечного жира [6]. На клеточном уровне увеличение содержания внутримышечного жира характеризуется повышенной пролиферацией в адипоцитах, увеличением количества и размера липидных капель (дифференцировка). Поскольку говядина является одним из наиболее широко потребляемых видов мяса в мире, улучшение производства и качества говядины уже давно имеет важное значение для пищевой промышленности. Учитывая, что рост и развитие мышц, жира напрямую связаны с выходом и качеством говядины, понимание механизмов регуляции роста и развития мышечной и жировой ткани на молекулярном уровне может прояснить новые стратегии воздействия на качество говядины и заложить основу для разведения мясного скота с использованием молекулярно-генетических методов [7, 8].

Ген *FASN* в изобилии экспрессируется в жировой ткани и кодирует синтазу жирных кислот – фермент, регулирующий биосинтез длинноцепочечных жирных кислот. Фермент играет центральную роль в липогенезе de novo, катализируя все стадии реакции превращения ацетил-КоА и малонил-КоА в пальмитат. Сообщалось о связи экспрессии полиморфизмов гена *FASN* с жировым обменом и признаками ожирения у крупного рогатого скота [9]. Домен ТЕ (тиоэстеразы) расположен на 3'-конце *FASN* и кодируется в пределах четырех

экзонов (экзоны 39-42). Этот домен отвечает за определение длины продуктов *FASN*, которые являются потенциальными субстратами для элонгаз и десатуразы [10]. SNP g.17924A>G, присутствующий в домене ТЕ гена *FASN*, связан с содержанием насыщенных кислот в подкожной жировой ткани и молочном жире [11]. Анализ полиморфизмов в домене тиоэстеразы гена *FASN*, который регулирует прекращение синтеза ЖК, у крупного рогатого скота породы ханву показал значительную связь между аллельными вариантами SNP g.17924G > A с концентрациями пальмитиновой и олеиновой кислот. Например, в генотипе GG концентрация олеиновой кислоты была на 3,2 и 2,8 % выше, чем в генотипах AA и AG соответственно. Однако авторы не наблюдали какой-либо значимой связи между генотипами g.17924A > G и другими исследованными жирных кислот: миристиновой, стеариновой и линолевой [12]. Также, сообщалось, что генотип GG полиморфизма g.17924A > G приводит к более высокому уровню полиненасыщенных жирных кислот и довольно низкому значению насыщенных жирных кислот, чем генотипы AG и AA. [10, 11]. Было проведено другое исследование для определения экзонных SNP в гене *FASN,* ассоциированных с жирно-кислотным составом у корейского крупного рогатого скота. В ходе исследований обнаружено, что все SNP (g.12870 T> C, g.13126 T > C, g.15532 C > A, g.16907 T > C и g.17924 G > A) были связаны с различным составом жирных кислот и мраморностью мяса. Генотипы CC, TT, AA, TT и GG имели связь с более высоким содержанием мононенасыщенных жиров и более низким - насыщенных жиров [13].

Еще один ген регулирующий жирнокислотный состав *DGAT1.* Диацилглицерол *O*-ацилтрансфераза (*DGAT1*) считается ключевым ферментом, который контролирует основной путь синтеза триацилглицерина в жировой ткани [14]. У животных триацилглицерин можно обнаружить в печени, тонком кишечнике, мышцах и жировой ткани, он считается основным компонентом внутримышечного жира, играет ключевую роль в энергетическом обмене [15]. В этом гене было идентифицировано несколько однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), ассоциированных с признаками продуктивности у крупного рогатого скота. Несколько исследований показали связь гена *DGAT1* с показателями продуктивности у семи пород крупного рогатого скота (ангус, бельгийская голубая, шароле, герефордская, голштино–фризская, лимузинская и симментальская) [16]. Доказано, что ген *DGAT1* может влиять на цвет и содержание жира в мясе мясного скота [17, 18]. Yuan Z. et al. (2013) изучали ассоциацию двух SNP (c.572A/G и c.1416T/G) в экзонной области гена *DGAT1* с признаками мясной продуктивности у крупного рогатого скота. Установлено, что эти полиморфизмы влияли на толщину подкожного жира, площадь мышечного глазка, мраморность и цвет жира [19]. В некоторых работах выявлена связь полиморфизма K232A гена *DGAT1* в регуляции количества и качества внутримышечного жира в полусухожильных мышцах мясного скота [20, 21]. Известно, об ассоциации К аллеля в полиморфизме K232A с высотой в кресте, жирностью и нежностью мяса у испанского мясного скота пород беррендаан-колорадо, берренда-ан-негро и кардена андалуза [22]. Однако Ardicli et al. (2018) этой связи не выявили, а в исследованиях Trakovicka A. et al. (2019) сообщалось о незначительном влиянии SNP K232A в гене *DGAT1* на различные показатели мясности (процентное содержание мышц, жира, костей).

Цель работы заключается в изучении полиморфизмов генов *FASN*, *DGAT1* и анализе их ассоциаций с живой массой в популяции бычков калмыцкой породы, разводимых в крайне засушливой климатической и полупустынной эколого-ландшафтной зоне Апанасенковского района Ставропольского края.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

Научно-производственный экспери-

мент проводился в условиях СПК (колхоз -племзавод) «Дружба» Апанасенковского района Ставропольского края. Исследования выполнены в лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве ВНИИОК — филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ», объектом их были бычки калмыцкой породы (n=156) в возрасте 8 мес.

Показатели мясной продуктивности у животных изучали на основании полученных данных о живой массе путем взвешивания.

Кровь для выделения ДНК отбирали из хвостовой или яремной вены в пробирки *K_3EDTA* (*SARSTEDT*, Германия). ДНК выделяли методом нуклеосорбции с использованием сертифицированного набора «ДНК-Экстран-1» (ЗАО «Синтол», Россия).

Для изучения полиморфизмов генов *FASN* и *DGAT1* выполнили генотипирование методом ПЦР-ПДРФ. Полимеразную цепную реакцию проводили с использованием лиофилизованных готовых реакционных смесей *GenPak® PCR Core* (ООО «Лаборатория Изоген», Россия) и пары праймеров, подобранных на ресурсе *Primer-BLAST* [24], синтезированных в ЗАО «Синтол» (табл.1).

ПЦР выполнена на амплификаторе *Thermal Cycler T1000* (*«Bio-Rad Laboratories, Inc.»*, США) для гена *FASN* по следующей схеме: полученный амплификат обрабатывали эндонуклеазой рестрикции *MscI* (ООО «Сибэнзим», Россия). Смесь инкубировали при 37°С в течение 4 ч с последующим разделением фрагментов электрофорезом в 3%-ном агарозном геле, содержащем 0,1 мкг/мл бромистого этидия (*85 В/40 мин*). Реакцию считывали с помощью видеосистемы гель-документирования «Взгляд» (ООО «Компания Хеликон», Россия). Для изучения полиморфизма гена *DGAT1* применялись следующие режимы амплификации: первоначальная денатурация — 5 мин при 94°С; 35 циклов: 30 с при 94°С, 30 с при 66,4°С (c.572A>G) и 65,8 (c.1416T > G), 30 с при 72°С; завершающая элонгация — 8 мин при 72°С. Рестрикцию проводили с использованием специфических эндонуклеаз приведенными в табл.1. Инкубацию смеси выполняли при 37°С в течение 10 ч. Идентификацию всех рестриктов проводили относительно ДНК-маркера молекулярных масс *GeneRuler DNA Ladder Mix (Thermo Fisher Scientific,* США*).*

Таблица 1 – Последовательность праймеров для амплификации целевого гена

Ген	*SNP*	*rs*	Последовательность праймеров	Эндонуклеаза рестрикции	Размер ампликона (п.н.)
FASN	g.17924A > G	*rs*41255693	*F:*5'-TC CTTTCACAGAGCTGACGGAC-3' R: 5'-GGAGGAAGAGCRGRRGCAGT-3'	*MscI*	AA: *362, 262, 195* GG: *362, 262, 195, 167* AG: *362, 262, 195, 167*
DGAT1	c.572A>G	*rs137745035*	*F:* 5′-TGGCCTTTCTCCTCGAGTCTGTC-3′ *R:*5′-TCTCGGCACCAGAGGTTGACGT-3′	*MaeIII*	AA: 184, 20 AG: 204, 184, 20 GG: 204
	c.1416T > G	*rs135329220*	*F:* 5′-ACTCATCATCGGGCAACCGG-3′ *R:*5′-CCAGGAGGCAGCTTCCACCAG-3′	*AgeI*	TT: 197, 16 TG: 213, 197, 16 GG: 213

Статистическую обработку данных выполняли в программах *IBM SPSS Statistics 26* и *Microsoft Excel*. Статистическую значимость различий средних значений признаков между группами животных определяли по *t*-критерию Стьюдента уровнем достоверности p<0,05.

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

Среди бычков калмыцкой породы в выявленном SNP g.17924A > G гена FASN, частоты генотипов распределились следующим образом: частота аллеля А составила – 0,54, G – 0,46 (таблица 2).

В исследуемой группе бычков наибольшую частоту встречаемости имели гомозиготный АА и гетерозиготный AG генотипы в полиморфизме g.17924A > G гена FASN составившие 35,0 и 39,0 %, реже встречались особи с гомозиготным мутантным генотипом (26,0 %).

Распределение частот генотипов в полиморфизме c.572A > G гена DGAT1 выразилось в следующем: наиболее часто встречался гомозиготный АА генотип, составивший 42,0 %, реже мутантный гомозиготный GG генотип – 32,0 %, наименьшую частоту встречаемости имел гетерозиготный AG вариант – 26,0 %. Среди исследуемой группы бычков наибольшую частоту встречаемости имел гомозиготный генотип GG – 52,0 % в замене c.1416T>G гена DGAT1, тогда как TT и TG генотипы встречались реже и составили 27,0 и 21,0 %, соответственно.

Рассматривая живую массу в возрасте 8 месяцев у исследуемых животных в замене g.17924A > G гена FASN выявили, что для животных-носителей AG и GG генотипов была характерна большая живая масса на 7,8 и 11,9 % по сравнению со сверстниками «дикого» гомозиготного АА генотипа (таблица 3).

Таблица 2 – Частота встречаемости генотипов в обнаруженных полиморфизмах генов *FASN* и *DGAT1* у мясного скота калмыцкой породы

Ген	Полиморфизм	Частота генотипов, %			Частота аллелей	
FASN	g.17924A > G	**AA**	**AG**	**GG**	**A**	**G**
		35,0	39,0	26,0	0,54	0,46
DGAT 1	c.572A > G	**AA**	**AG**	**GG**	**A**	**G**
		42,0	26,0	32,0	0,55	0,45
	c.1416T > G	**TT**	**TG**	**GG**	T	**G**
		27,0	21,0	52,0	0,37	0,63

Таблица 3 – Живая масса бычков калмыцкой породы в возрасте 8 месяцев с различными генотипами по полиморфизмам генов *FASN* и *DGAT1*

Ген	Полиморфизм	Генотип					
FASN	g.17924A > G	**AA** (n =55)		**AG** (n =60)		**GG** (n =41)	
		M	m	M	m	M	m
		183,4*	8,4	197,8	12,0	205,2**	13,9
DGAT1	c.572A > G	**AA** (n =66)		**AG** (n =41)		**GG** (n =49)	
		187,7$^{\#}$	8,2	192,3	11,8	198,2$^{\#\#}$	10,9
	c.1416T > G	**TT** (n =42)		**TG** (n =32)		**GG** (n =82)	
		199,7$^{*\#}$	11,9	189,1	9,0	189,0	12,0

*Примечание: * различия достоверны при p<0,05 между особями AG и GG генотипов;*

*** различия достоверны при p<0,05 между особями AA и AG генотипов; # различия достоверны при p<0,05 между особями AB и BB генотипов, ## - различия достоверны при p<0,05 между особями AA и AB генотипов; *# различия достоверны при p<0,05 между особями TG и GG генотипов.*

Сопоставляя измерения живой массы у бычков с различными генотипами по полиморфизмам c.572A>G, c.1416T>G гена *DGAT1* установили, что эти замены имели низкую ассоциативную связь с величиной изучаемого признака. Однако, наибольшую среднюю живую массу имели животные носители ТТ генотипа полиморфизма c.1416T>G, превосходящие особей с гетерозиготным и «диким» гомозиготным генотипами на 5 %.

Таким образом, в результате исследований выявили наличие полиморфизмов в локусах генов *FASN* и *DGAT1* в популяции мясного скота калмыцкой породы. Установлена частота аллелей и генотипов в обнаруженных полиморфизмах генов *FASN* и *DGAT1;* получены данные о наличии ассоциаций в зависимости от полиморфных вариантов изученных генов с живой массой бычков калмыцкой породы в возрасте 8 месяцев, которые были различны.

Нами установлено, что животные GG генопипа SNP g.17924A>G имеют наибольшую живую массу, одним из ключевых признаков мясной продуктивности. В исследованиях Pećina M. (2023) было выявлено незначительное влияние полиморфизма g.17924A>G гена *FASN* на упитанность туши и содержание жирных кислот в говядине. Однако, большинство исследований связано с признаками содержания в мясе жирных кислот и мраморностью мяса. Maharani D. et al. (2012) указали, что животные носители GG-генотиипа в SNP g.17924A>G имели достоверно более низкое содержание C14:0 ($p < 0,01$), такую же ассоциацию выявили и Zhang S. et al., (2008) у быков породы ангус. Кроме того, авторы установили, что бычки этой породы с генотипом GG (по сравнению с генотипом AA) имели более низкий уровень насыщенных жирных кислот: 14:0 и 16:0 и более высокий общий уровень мононенасыщенных жирных кислот (18:1). Полученные нами сведения и сопоставление их с данными зарубежных коллег, создает предпосылки для дальнейших исследований ассоциации полиморфизмов этого гена с признаками мясной продуктивности.

В изучаемых полиморфизмах гена *DGAT1* выявлено два желаемых генотипа, достоверно ассоциированных с высокой живой массой: GG генотип в полиморфизме c.572A > G и ТТ генотип в полиморфизме c.1416T > G . Сведений о связи полиморфизмов этих генов с живой массой не найдено, однако Yuan Z., et al (2013) установили ассоциацию полиморфизмов C.572A>G и c.1416T> G в гене *DGAT1* у китайского товарного скота с показателями качества мяса и упитанности туш. Также, выявлено, что полиморфизмы C.572A>G и c.1416T> G ассоциированы с толщиной подкожного жира, площадью длиннейшей мышцы, мраморностью, цветом жира и другими параметрами. Результаты этого исследования позволили сделать вывод, что эти SNP могут быть пригодны в качестве маркеров для эффективного отбора высокопродуктивных животных, отличающихся хорошей упитанностью и качественными показателями мяса [19]. Несмотря на то, что в нашем исследовании не все выявленные полиморфизмы гена *DGAT1* оказались ассоциированы с высокой живой массой, продолжать изучение и установление связи с другими показателями продуктивности целесообразно, опираясь на данные зарубежных коллег.

Таким образом, проведенными исследованиями установили достоверную связь живой массы с полиморфизмами генов *FASN* и *DGAT1* у бычков калмыцкой породы и являются перспективными маркерами качественных характеристик мяса. Также, они могут быть использованы в качестве ДНК-маркеров для селекции мясного скота, разводимого в крайне засушливых климатических и полупустынных эколого-ландшафтных зонах.

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

В ходе проведенных исследований изучены наиболее значимые полиморфизмы генов *FASN* и *DGAT1* и их ассоциация с живой массой в популяции крупного рогатого скота калмыцкой породы, разводимых в крайне засушливой климатической и полупустынной эколого-ландшафтной

зоне Апанасенковского района Ставропольского края. Полиморфизм генов *FASN* и *DGAT1* в популяции бычков калмыцкой породы представлен двумя аллелями с разной частотой встречаемости: для гена *FASN* A – 0,54; G – 0,46; для гена *DGAT1* A – 0,55;G – 0,45; T – 0,37; G – 0,63, соответственно. Установлены по три генотипа для полиморфизма g.17924A > G в гене *FASN (AA – 35,0;* AG – 39,0; GG – 26,0), для полиморфизмов c.572A > G и c.1416T > G гена *DGAT1* (AA – 42,0; AG – 26,0; GG – 32,0; TT – 27,0; TG – 21,0; GG – 52,0)

Установили, что животные носители AG и GG генотипов в полиморфизме g.17924A>G (*rs*41255693) гена *FASN* имели живую массу 205,2 кг в возрасте 8 месяцев, что на 7,8 и 11,9 % больше по сравнению с особями AA и AG генотипа. Животные носители гомозиготного TT генотипа полиморфизма c.1416T > G (rs135329220) имели более высокую живой массой на 5 % по сравнению с другими особями-носителями TG и GG генотипов.

Таким образом, проведенные исследования позволили получить новые сведения о наличии ассоциации генотипов полиморфизмов в генах *FASN* и *DGAT1* у калмыцкого скота. Дальнейшая работа будет направлена на изучение влияния обнаруженных полиморфизмов на хозяйственно полезные признаки, позволяющих применять их в MAS-селекции мясного скота с целью улучшения качественных характеристик мясной продукции.

ASSOCIATION OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS OF *FASN* AND *DGAT1* GENES WITH LIVE WEIGHT IN BEEF CATTLE

Shevkhuzhev A.F. – Professor, Doctor of Agricultural Sciences (ORCID 0000-0002-9164-4199); **Skorykh L.N.** – Associate Professor, Doctor of Biological Sciences (ORCID 0000-0002-6090-4453); **Krivoruchko A.Yu.** – Doctor of Biological Sciences (ORCID 0000-0003-0130-3639); **Skokova A.V.** – cand. Biol. sciences (ORCID 0000–0002–2193–7498); **Kanibolotskaya A.A.** – PhD. Biol. sciences (ORCID 0000–0003–3003–4175).

FSBSI "North Caucasian FSAC"

*dorohin.2012@inbox.ru

Financing: *Materials prepared within the framework of the Federal Scientific and Technical Program (FSTP) of agricultural development for 2017-2030. Subprogram: "Improvement of genetic potential of beef cattle" (FNMU-2022-0029).*

ABSTRACT

The domestic Kalmyk cattle breed is considered unique and differs from all meat breeds bred in Russia. Animals of this breed are endowed with natural endurance and independence from climatic conditions, they are characterized by high adaptive ability, which makes it possible to breed them both in purity and in various schemes of crossing with other breeds in many regions and regions of our country. In addition, beef from animals of this breed has quite high quality and taste indicators. Given the increasing need for high-quality beef, the need for research aimed at increasing the meat productivity of cattle is an urgent task of agricultural science and practice.The aim of the work is to study the polymorphisms of the *FASN* and *DGAT1* genes and their association with live weight in a population of Kalmyk bull calves bred in an extremely arid climatic and semi-arid ecological landscape zone of the Stavropol Territory. The studies were conducted in the conditions of SPK (kolkhoz-plemzavod) "Druzhba" (Druzhba collective farm) of Stavropol Krai on Kalmyk steers (n=156) at the age of 8 months. To study the polymorphisms of the *FASN* and *DGAT1* genes, genotyping was performed by PCR-PDRF using lyophilized ready-made GenPak ® PCR Core reaction mixtures using a pair of primers selected on the Primer-BLAST resource. It was found that animals carrying AG and GG genotypes in the replacement of g.17924A>G of the *FASN* gene had a live weight of 7.8 and 11.9% more than the AA genotype, as well as among the entire studied livestock for the two studied genes. Ani-

mals carrying the homozygous TT genotype of c.1416T > G polymorphism in the *DGAT1* gene had a higher live weight among all animals studied for this gene by 5%.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1.Селекция мясного скота на повышение эффективности использования корма / Е. Н. Усманова, Д. В. Зубоченко, П. С. Остапчук, Т. А. Куевда // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: Наука и высшее профессиональное образование. – 2022. – № 4(68). – С. 270-286. – DOI 10.32786/2071-9485-2022-04-33. Режим доступа: https://elibrary.ru/item.asp?edn=usetwo

2.Письменная, Е. В. Эколого-хозяйственная организация территории для оптимизации аграрного землепользования в зоне степей Северо-Кавказского региона: автореферат дис. ... доктора сельскохозяйственных наук: 06.01.03 / Письменная Елена Вячеславовна; [Место защиты: Агрофиз. науч.-исслед. ин-т]. – Ставрополь, 2018. – 50 с.

3.Русанова, Т. П. Научно обоснованные параметры экономической эффективности ведения мясного скотоводства в условиях засушливой зоны Ставропольского края (на примере СПК "Дружба" Апанасенковского района) / Т. П. Русанова, Л. Н. Коровина, Е. В. Абонеева // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. – 2012. – Т. 1, № 5. – С. 141-144. Режим доступа: https://cyberleninka.ru/article/n/nauchno-obosnovannye-parametry-ekonomicheskoy-effektivnosti-vedeniya-myasnogo-skotovodstva-v-usloviyah-zasushlivoy-zony (дата обращения: 26.01.2024).

4.Сангаджиева, О. С. Применение биодобавки при откорме молодняка крупного рогатого скота в условиях АО ПЗ «Улан-Хееч» Яшкульского района Республики Калмыкия / О.С. Сангаджиева, А.С. Авлиев, А.В. Манжикова // Секция 2: УПРАВЛЕНИЕ КАЧЕСТВОМ В АПК – 2023. С. 230-231

5.Моисейкина, Л.Г. Сравнительный анализ фенотипических данных и генетической структуры популяции крупного рогатого скота калмыцкой породы / Л.Г. Моисейкина, А.В. Убушиева, В.С. Убушиева //Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). – 2023. – №. 4. .С. 167-174. https://doi.org/10.31677/2072-6724-2022-65-4-167-174

6.Longissimus dorsi muscle label-free quantitative proteomic reveals biological mechanisms associated with intramuscular fat deposition / M. D. Poleti [et al.] //Journal of proteomics. – 2018. – Т. 179. – P. 30-41. DOI: 10.1016/j.jprot.2018.02.028

7.Effect of actin alpha cardiac Muscle 1 on the proliferation and differentiation of bovine myoblasts and preadipocytes / A. Li [et al.] //Animals. 2021. – Т. 11. – №. 12. – С. 3468. DOI: 10.3390/ani11123468

8.Effect of FASN, SCD, and GH Genes on Carcass Fatness and Fatty Acid Composition of Intramuscular Lipids in F1 Holstein× Beef Breeds / M. Pećina [et al.] // Agriculture. – 2023. – Т. 13. –№. 3. – С. 571. DOI:10.3390/agriculture13030571

9.Relationship of polymorphisms within metabolic genes and carcass traits in crossbred beef cattle / L.A. Rempel [et al.]// Journal of animal science. –2012. – Т. 90. – №. 4. – С. 1311-1316. DOI: 10.2527/jas.2011-4302

10.DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition 1 / S. Zhang [et al.] //Animal genetics. – 2008. – Т. 39. – №. 1. – P. 62-70. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2007.01681.x

11.Fatty acid synthase effects on bovine adipose fat and milk fat / C.A. Morris [et al.] //Mammalian Genome. – 2007. –Т. 18. – С. 64-74. DOI: 10.1007/s00335-006-0102-y

12. DNA polymorphisms in SREBF1 and FASN genes affect fatty acid composition in Korean cattle (Hanwoo) / M. S. A. Bhuiyan [et al.]//Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2009. – Т. 22. – №. 6.– С. 765-773. DOI:10.5713/ajas.2009.80573

13.Fatty acid composition of beef is associated with exonic nucleotide variants of the gene encoding FASN / D. Oh [et al.] // Molecular Biology Reports. – 2012. – Т. 39. – С. 4083-4090. DOI:10.1007/s11033-011-

1190-7
14.Yen, C.L.E. Thematic Review Series: Intestinal Lipid Metabolism: New Developments and Current Insights: Intestinal triacylglycerol synthesis in fat absorption and systemic energy metabolism / C.L.E. Yen, D.W. Nelson, M.I. Yen //Journal of Lipid Research. – 2015. – Т. 56. – №. 3. –С. 489. DOI:10.1194/jlr.R052902
15.How muscle structure and composition influence meat and flesh quality / A. Listrat [et al.] //The Scientific World Journal. – 2016. – Т. 2016. DOI:10.1155/2016/3182746
16.Relationship of the bovine IGF1, TG, DGAT1 and MYF5 genes to meat colour, tenderness and cooking loss / S. Ardicli [et al.] //Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society. – 2018. – Т. 69. – №. 3. – С. 1077-1087. DOI:10.12681/jhvms.18879
17.Detection of selection signatures in dairy and beef cattle using high-density genomic information / F. Zhao [et al.] //Genetics Selection Evolution. 2015. Т. 47. №. 1. P. 1-12. DOI:10.1186/s12711-015-0127-3
18.Associations between LEP, DGAT1 and FABP4 gene polymorphisms and carcass and meat traits in Nelore and crossbred beef cattle / R.A.Curi [et al.] //Livestock Science. – 2011. – Т. 135. – №. 2-3. – С. 244-250. DOI:10.1016/j.livsci.2010.07.013
19.Effects of DGAT1 gene on meat and carcass fatness quality in Chinese commercial cattle / Z. Yuan [et al.]//Molecular Biology Reports. – 2013. – Т. 40. – С. 1947-1954. DOI: 10.1007/s11033-012-2251-2
20.Association analysis of single nucleotide polymorphisms in DGAT1, TG and FABP4 genes and intramuscular fat in crossbred Bos taurus cattle / L. Pannier [et al.]//Meat science. – 2010. – Т. 85. – №. 3. – С. 515-518. DOI: 10.1016/j.meatsci.2010.02.025
21.CAPN1, CAST, and DGAT1 genetic effects on preweaning performance, carcass quality traits, and residual variance of tenderness in a beef cattle population selected for haplotype and allele equalization / JrR.G. Tait [et al.] //Journal of animal science. – 2014. – Т. 92. – №. 12. – С. 5382-5393. DOI: 10.2527/jas.2014-8211
22.Assessment of DGAT1 and LEP gene polymorphisms in three Nelore (Bos indicus) lines selected for growth and their relationship with growth and carcass traits / F.R.P. Souza [et al.] //Journal of Animal Science. – 2010. – Т. 88. – №. 2. – С. 435-441. DOI:10.2527/jas.2009-2174
23.The impact of diacylglycerol O-acyltransferase 1 gene polymorphism on carcass traits in cattle / A. Trakovicka [et al.] //Journal of Central European Agriculture. – 2019. – Т. 20. – №. 1. – P. 12-18. DOI:10.5513/JCEA01/20.1.2411
24.Primer designing tool. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/. (дата обращения:4.08.2022).
25.Association of five candidate genes with fatty acid composition in Korean cattle / D. Maharani [et al.]//Molecular biology reports. – 2012. – Т. 39. – С. 6113-6121. DOI: 10.1007/s11033-011-1426-6
26.DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition 1 / S. Zhang [et al.] //Animal genetics. – 2008. – Т. 39. – №. 1. – С. 62-70. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2007.01681.x

REFERENCES

1.Breeding of beef cattle to improve the efficiency of feed use / E. N. Usmanova, D. V. Zubochenko, P. S. Ostapchuk, T. A. Kuevda // Izvestiya Nizhnevolzhsky agrouniversitetskiy complex: Science and higher professional education. – 2022. – № 4 (68). – Pp. 270-286. – DOI 10.32786/2071-9485-2022-04-33. Access mode: https://elibrary.ru/item.asp?edn=usetwo
2.Pishchennaya, E. V. Ecological and economic organization of the territory for optimization of agricultural land use in the steppe zone of the North Caucasus region: abstract of the dissertation... Doctor of Agricultural Sciences: 06.01.03 / Written Elena Vyacheslavovna; [Place of protection: Agrophys. scientific research. in-t]. – Stavropol, 2018. – 50 p.
3.Rusanova, T. P. Scientifically substantiated parameters of the economic efficiency of beef cattle breeding in the arid zone of the Stavropol Territory (on the example of the SEC "Druzhba" of the Apanasenkovsky district) / T. P. Rusanova, L. N. Korovina, E. V.

Aboneeva // Collection of scientific papers of the Stavropol Scientific Research Institute of Animal Husbandry and feed production. – 2012. – Vol. 1, No. 5. – pp. 141-144. Access mode: https://cyberleninka.ru/article/n/nauchno-obosnovannye-parametry-ekonomicheskoy-effektivnosti-vedeniya-myasnogo-skotovodstva-v-usloviyah-zasushlivoy-zony (date of application: 01/26/2024).
4.Sangadzhieva, O. S. The use of dietary supplements for fattening young cattle in the conditions of JSC "Ulan-Heech" Yashkulsky district of the Republic of Kalmykia / O.S. Sangadzhieva, A.S. Avliev, A.V. Manjikova // Section 2: QUALITY MANAGEMENT IN AGRICULTURE – 2023. pp. 230-231
5.Moiseikina, L.G. Comparative analysis of phenotypic data and genetic structure of the Kalmyk cattle population / L.G. Moiseikina, A.V. Ubushieva, V.S. Ubushieva //Bulletin of the NGAU (Novosibirsk State Agrarian University). – 2023. – No. 4. .P. 167-174. https://doi.org/10.31677/2072-6724-2022-65-4-167-174
6.Longissimus dorsi muscle label-free quantitative proteomic reveals biological mechanisms associated with intramuscular fat deposition / M. D. Poleti [et al.] //Journal of proteomics. – 2018. – vol. 179. – pp. 30-41. DOI: 10.1016/j.jprot.2018.02.028
7.Effect of actin alpha cardiac Muscle 1 on the proliferation and differentiation of bovine myoblasts and preadipocytes / A. Li [et al.] //Animals. 2021. – Vol. 11. – no. 12. – C. 3468. DOI: 10.3390/ani11123468
8.Effect of FASN, SCD, and GH Genes on Carcass Fatness and Fatty Acid Composition of Intramuscular Lipids in F1 Holstein× Beef Breeds / M. Pećina [et al.] //Agriculture. – 2023. – Vol. 13. –No. 3. – C. 571. DOI:10.3390/agriculture13030571
9.Relationship of polymorphisms within metabolic genes and carcass traits in crossbred beef cattle / L.A. Rempel [et al.]// Journal of animal science. -2012. – Vol. 90. – No. 4. – C. 1311-1316. DOI: 10.2527/jas.2011-4302
10.DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition 1 / S. Zhang [et al.] //Animal genetics. – 2008. – Vol. 39. – No. 1. – P. 62-70. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2007.01681.xZhang, Shu, et al. "DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition 1." Animal genetics 39.1 (2008): 62-70.
11.Fatty acid synthase effects on bovine adipose fat and milk fat / C.A. Morris [et al.] //Mammalian Genome. – 2007. –Vol. 18. – pp. 64-74. DOI: 10.1007/s00335-006-0102-y
12.DNA polymorphisms in SREBF1 and FASN genes affect fatty acid composition in Korean cattle (Hanwoo) / M. S. A. Bhuiyan [et al.]//Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2009. – Vol. 22. – No. 6.– C. 765-773. DOI:10.5713/ajas.2009.80573
13.Fatty acid composition of beef is associated with exonic nucleotide variants of the gene encoding FASN / D. Oh [et al.] // Molecular Biology Reports. – 2012. – Vol. 39. – pp. 4083-4090. DOI:10.1007/s11033-011-1190-7
14.Yen, C.L.E. Thematic Review Series: Intestinal Lipid Metabolism: New Developments and Current Insights: Intestinal triacylglycerol synthesis in fat absorption and systemic energy metabolism / C.L.E. Yen, D.W. Nelson, M.I. Yen //Journal of Lipid Research. – 2015. – Vol. 56. – no. 3. –p. 489. DOI:10.1194/jlr.R052902
15.How muscle structure and composition influence meat and flesh quality / A. Listrat [et al.] //The Scientific World Journal. – 2016. – Vol. 2016. DOI:10.1155/2016/3182746
16.Relationship of the bovine IGF1, TG, DGAT1 and MYF5 genes to meat colour, tenderness and cooking loss / S. Ardicli [et al.] //Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society. - 2018. – vol. 69. – No. 3. – C. 1077-1087. DOI:10.12681/jhvms.18879
17.Detection of selection signatures in dairy and beef cattle using high-density genomic information / F. Zhao [et al.] //Genetics Selection Evolution. 2015. Vol. 47. No. 1. pp. 1-12. DOI:10.1186/s12711-015-0127-3
18.Associations between LEP, DGAT1 and FABP4 gene polymorphisms and carcass and meat traits in Nelore and crossbred beef

cattle / R.A.Curi [et al.] //Livestock Science. – 2011. – Vol. 135. – no. 2-3. – C. 244-250. DOI:10.1016/j.livsci.2010.07.013
19.Effects of DGAT1 gene on meat and carcass fatness quality in Chinese commercial cattle / Z. Yuan [et al.]//Molecular Biology Reports. – 2013. – Vol. 40. – C. 1947-1954. DOI: 10.1007/s11033-012-2251-2
20.Association analysis of single nucleotide polymorphisms in DGAT1, TG and FABP4 genes and intramuscular fat in crossbred Bos taurus cattle / L. Pannier [et al.]//Meat science. – 2010. – T. 85. – №. 3. – P. 515-518. DOI: 10.1016/j.meatsci.2010.02.025
21.CAPN1, CAST, and DGAT1 genetic effects on preweaning performance, carcass quality traits, and residual variance of tenderness in a beef cattle population selected for haplotype and allele equalization / JrR.G. Tait [et al.] //Journal of animal science. – 2014. – T. 92. – №. 12. – P. 5382-5393. DOI: 10.2527/jas.2014-8211
22.Assessment of DGAT1 and LEP gene polymorphisms in three Nelore (Bos indicus) lines selected for growth and their relationship with growth and carcass traits / F.R.P. Souza [et al.] //Journal of Animal Science. – 2010. – T. 88. – №. 2. – P. 435-441. DOI:10.2527/jas.2009-2174
23.The impact of diacylglycerol O-acyltransferase 1 gene polymorphism on carcass traits in cattle / A. Trakovicka [et al.] //Journal of Central European Agriculture. – 2019. – Vol. 20. – No. 1. – pp. 12-18. DOI:10.5513/JCEA01/20.1.2411
24.Primer designing tool. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/. (Accessed 4.08.2022).
25.Association of five candidate genes with fatty acid composition in Korean cattle / D. Maharani [et al.]//Molecular biology reports. – 2012. – Vol. 39. – pp. 6113-6121. DOI: 10.1007/s11033-011-1426-6
26.DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition 1 / S. Zhang [et al.] //Animal genetics. – 2008. – Vol. 39. – No. 1. – pp. 62-70. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2007.01681.x